پژوهش‌های حبوبات ایران
جلد۱۰ شمارهٔ۲، نیمهٔ دوم ۱۳۹۸، صفحهٔ ۸۹-۷۷
نوع مقاله: پژوهشی

Iranian Journal of Pulses Research
Vol. 10, No. 2, 2019, p. 77-89 (Research Article)
DOI: 10.22067/ijpr.v10i2.66654

ارزیابی لاین‌های امیدبخش حاصل از جمعیت‌های محلی لوبیای قرمز (*Phaseolus vulgaris* L.)

محمدحسن کوشکی[1] و اکبر مرزوقیان[2]*

۱- بخش تحقیقات علوم زراعی و باغی، مرکز تحقیقات و آموزش کشاورزی و منابع طبیعی استان لرستان، سازمان تحقیقات، آموزش و ترویج کشاورزی، خرم‌آباد، ایران، mh_kooshki@yahoo.com

۲- بخش تحقیقات علوم زراعی و باغی، مرکز تحقیقات و آموزش کشاورزی و منابع طبیعی استان خوزستان، سازمان تحقیقات، آموزش و ترویج کشاورزی، اهواز، ایران

تاریخ دریافت: ۱۳۹۶/۰۲/۱۸
تاریخ پذیرش: ۱۳۹۶/۱۰/۳۰

چکیده

به منظور بررسی لاین‌های خالص گزینش‌شده ازجمعیت‌های محلی لوبیای قرمز، ۱۴لاین به‌همراه دو رقم شاهد گلی و صیاد در قالب بلوک‌های کامل تصادفی با چهار تکرار در ایستگاه تحقیقات کشاورزی شهرستان بروجرد، استان لرستان ارزیابی شد. ارتفاع گیاه، تعداد گره، تعداد شاخه فرعی، طول نیام، تعداد نیام در بوته، تعداد دانه در بوته، وزن۱۰۰دانه و عملکرد دانه اندازه‌گیری شد. برش کلاستر و مقایسه گروه‌های با پتانسیل عملکرد دانه متفاوت به‌ترتیب با آماره‌های ویلکس لامبدا و مربعT هتلینگ نشان داد که همگی ژنوتیپ‌های قرارگرفته در گروه با عملکرد دانه بالا متعلق به لاین‌های امیدبخش بود که حاکی از پتانسیل مناسب توده‌های بومی در برنامه اصلاحی بود. بین گروه‌ها برای تعداد دانه در بوته نیز اختلاف معنی‌دار در سطح احتمال ۰/۰۱ وجود داشت. صفت وزن۱۰۰دانه، با وجود همبستگی پایین با عملکرد، در تجزیه رگرسیون در مدل باقی ماند و اثر غیرمستقیم منفی از طریق تعداد دانه در بوته بر روی عملکرد داشت. نتایج تجزیه به عامل‌ها علاوه بر خلاصه‌کردن تعداد زیاد متغیر (صفت)ها، دارای توانایی مطلوب در تشخیص ژنوتیپ‌های پرمحصول و کم‌محصول بود. جمع‌بندی و ارتباط نتایج تجزیه‌های مختلف نشان داد که افزایش تعداد دانه در بوته نسبت به دیگر صفات ارزیابی‌شده منجر به افزایش بیشتر عملکرد دانه شده بود. نتایج این پژوهش می‌تواند در شناسایی و بهره‌گیری بهتر از صفات و ژنوتیپ‌های مطلوب در برنامه‌های اصلاحی مورد استفاده پژوهشگران قرار گیرد.

واژه‌های کلیدی: روش‌های آماری چند متغیره، عملکرد، گزینش غیرمستقیم، لاین خالص، لوبیا

مقدمــه

در راستای تأکید بر اهمیت جهانی حبوبات، سال۲۰۱۶ توسط سازمان خواربار و کشاورزی ملل متحد سال جهانی حبوبات (International Year of Pulses) نامیده شد (FAO, 2016). در بین حبوبات، لوبیا با نام علمی *Phaseolus vulgaris* از اهمیت ویژه‌ای برخوردار است. مهم ترین کشورهای تولیدکنندهٔ لوبیا در آسیا، چین، ایران و ژاپن می‌باشند. سطح زیرکشت لوبیا در سال زراعی۹۴-۱۳۹۳ در ایران ۹۴هزارهکتار بود که از این مقدار، ۱۷۸۴۱هکتار آن مربوط به استان لرستان با ۱۸/۹درصد بود. در بین انواع لوبیا در استان لرستان، بیشترین سطح زیرکشت به لوبیاقرمز اختصاص دارد (Anonymous, 2014).

تنوع وارتباط بین صفات عملکرد و اجزای آن در لوبیا توسط محققان مورد مطالعه قرار گرفته است (Pradesh, 2010; Rai *et al*., 2010; Sofi *et al*., 2011; Karasu & oz, 2010; Sadeghi *et al*., 2011; Cokkizgin *et al*., 2013; Önder*et al*., 2013; Akhshi *et al*., 2015).

ارتباط مثبت و معنی‌داری بین تعداد دانه در بوته با تعداد نیام در بوته، طول نیام و شاخص برداشت در لوبیای معمولی گزارش شده است (Salehi *et al*., 2008). نتایج این مطالعه نشان داد بیشترین ضریب همبستگی متعلق به تعداد دانه با عملکرد دانه در بوته بود. عملکرد دانه همبستگی مثبت با تعداد روز تا ۵۰درصد گلدهی، ارتفاع گیاه، طول نیام، تعداد نیام و تعداد دانه در بوته در لوبیا داشت (Ahmed, 2013). همبستگی‌های ساده نشان داد بین عملکرد دانه لوبیا با عملکرد بیولوژیکی و شاخص برداشت ارتباط مثبت وجود داشت، درحالی‌که صفات روز تا گلدهی، ارتفاع اولین نیام و ارتفاع گیاه و تعداد نیام در بوته همبستگی منفی داشتند(Önder*et al*., 2013).

تجزیه مسیر با مشخص‌کردن اثرات مستقیم و غیرمستقیم صفات بر روی یکدیگر، به عنوان یک رهیافت قابل‌اعتماد در تفسیر علل و عوامل وجودی این همبستگی‌ها مثمرثمر خواهد بود (Gonsalves *et al*., 2017). تعداد دانه در بوته و شاخص

* **نویسنده مسئول:** a.marzooghian@areeo.ac.ir

برداشت اثر مستقیم مثبت بالایی روی عملکرد دانه در لوبیا داشت (Sadeghi *et al*., 2011). در تحقیق دیگری برای تعداد دانه در بوته نیز اثر مستقیم مثبت معنی‌دار روی عملکرد دانه لوبیا گزارش شده است، با این وجود وزن۱۰۰دانه اثر مستقیم منفی بر روی عملکرد دانه داشت و در عین حال دارای کمترین اثر مستقیم بر روی عملکرد دانه بود (Cokkizgin *et al*., 2013). صفت عملکرد دانه به میزان زیادی تحت تأثیر اثرات مستقیم مثبت عملکرد بیولوژیکی و شاخص برداشت قرار می‌گیرد، در عین حال اثر تعداد شاخه اصلی و روز تا گلدهی بر روی عملکرد منفی بود (Önder*et al*. 2013). اثر مستقیم مثبت بالایی برای تعداد نیام در بوته و تعداد دانه در بوته بر روی عملکرد دانه تحت شرایط نرمال و تنش گزارش شده است وعلاوه بر آن، تعداد نیام در بوته بیشترین اثر غیرمستقیم منفی را از طریق شاخص برداشت تحت شرایط تنش در لوبیا داشت (Ambachew *et al*., 2015). در بررسی دیگری نتایج تجزیه علیت حاکی از اثر مستقیم مثبت تعداد روز تا ۵۰درصد گلدهی، تعداد نیام در بوته، طول نیام و وزن۱۰۰دانه بر روی عملکرد دانه لوبیا بود (Ahmed, 2013).

علاوه بر تجزیه مسیر، ارزیابی و ارتباط صفات با استفاده از دیگر روش‌های آماری چندمتغیره نظیر تجزیه کلاستر و تجزیه تابع تشخیص می‌تواند در درک بهتر این ارتباطات مثمرثمر واقع گردد. صفات زراعی و الگوهای پروتئینی ژنوتیپ‌های لوبیا با برخی از این روش‌ها مورد بررسی قرار گرفته است (Marzooghian *et al*., 2013; Akhshi *et al*., 2015).

بهبود ژنوتیپ‌های جدید با پتانسیل ژنتیکی بالا برای عملکرد دانه اصلی‌ترین هدف برنامه‌های اصلاحی است. برای رسیدن به این هدف بایستی در کنار بهبود ویژگی‌های اصلی، به نگهداری و تقویت همزمان آن‌ها در سراسر فرآیند گزینش نیز توجه کرد. هدف از این پژوهش شناسایی ژنوتیپ‌های مطلوب و ارتباط بین صفات مهم و بررسی این صفات با استفاده از برخی روش‌های آماری چندمتغیره جهت بهبود ژنوتیپ‌ها برای استفاده اصلاح‌گران در برنامه‌های اصلاحی بود. همچنین جمع‌بندی و ارتباط نتایج به‌دست‌آمده از تجزیه‌های متفاوت مورد بررسی به‌عنوان یک رهیافت کاربردی مدنظر بود.

مواد و روش‌ها

این پژوهش در ایستگاه تحقیقات کشاورزی بروجرد با مختصات طول جغرافیایی ۴۸درجه و ۵۲دقیقه شرقی و عرض جغرافیایی ۳۳درجه و ۴۴دقیقه شمالی با ۱۴۹۷متر ارتفاع از سطح دریا واقع در کیلومتر ۲۰ جنوب‌شرق شهرستان بروجرد، استان لرستان اجرا شد.

در فروردین سال ۱۳۹۰ یک قطعه مناسب از اراضی ایستگاه تحقیقات کشاورزی بروجرد انتخاب و پس از انجام آزمون خاک، در اولین فرصت کلیه عملیات شخم، دیسک، لولر و فاروزنی انجام شد. مقدار کود موردنیاز نیز که بر اساس آزمون خاک مشخص شد، قبل از انجام عملیات دیسک و لولر به نسبت مساوی در زمین پخش گردید. کود مصرفی شامل اوره به‌میزان ۱۵۰کیلوگرم در هکتار (در دو مرحله زمان شخم و قبل از گلدهی به نسبت مساوی)، سوپرفسفات تریپل و سولفات پتاسیم هریک به‌میزان ۱۰۰کیلوگرم در هکتاربود. میزان قابل‌جذب عناصر نیتروژن، فسفر و پتاسیم آزمایش خاک به ترتیب برابر با ۰/۰۶درصد، ۷ پی‌پی‌ام و ۱۷۵پی‌پی‌ام بود. همچنین به منظور کنترل علف‌های‌هرز، از علف‌کش قبل از کاشت ترفلان به میزان دو لیتر در هکتار (قبل از دیسک‌زنی) استفاده شد و ادامه مراحل کنترل علف‌های‌هرز به‌صورت دستی بود.

اسامی لاین‌های به خلوص‌رسیده منتخب (حاصل از جمعیت‌های محلی جمع‌آوری‌شده از سال‌های قبل) در جدول۱ نشان داده شده است. تعداد ۱۴لاین از توده‌های لوبیای قرمز شهرستان‌های ازنا (دو لاین)، الیگودرز (چهار لاین)، الشتر(یک لاین)، بروجرد (یک لاین)، دورود (دو لاین)، شازند (دو لاین) و نورآباد (دو لاین) انتخابی از سال‌های قبل در کنار ارقام شاهد صیاد و گلی در قالب طرح بلوک کامل تصادفی با چهار تکرار کاشته شدند. هر کرت آزمایشی شامل چهار خط کاشت به طول شِش متر و به فاصله ۵۰سانتی‌متر بود. کاشت تیمارها به صورت دستی انجام گرفت و کلیه عملیات داشت مانند تغذیه، آبیاری و وجین در همه تیمارها یکسان بود.

در این آزمایش، صفات ارتفاع گیاه، تعداد گره در ساقه اصلی، تعداد شاخه فرعی در بوته، تعداد نیام در بوته، طول نیام، تعداد دانه در بوته، وزن۱۰۰دانه و عملکرد دانه اندازه‌گیری شدند.

پس از جمع‌آوری داده‌ها، آزمون نرمال‌بودن با استفاده از آزمون کولموگروف-اسمیرنوف در سطح احتمال ۰/۰۱ انجام شد. جهت برآورد واریانس‌های خطا(σ^2_e)، ژنتیکی(σ^2_t) و فنوتیپی(σ^2_p) و وراثت‌پذیری عمومی(h^2_b) در واحد میانگین تیمار، به‌ترتیب از معادلات ۱، ۲، ۳ و ۴ استفاده گردید.

معادله (۱)

$$\sigma^2_e = MS_e$$

معادله (۲)

$$\sigma^2_t = (MS_t - MS_e)/r$$

معادله (۳)

$$\sigma^2_p = \sigma^2_t + \sigma^2_e/r$$

معادله (۴)

$$h^2_b = \sigma^2_t/\sigma^2_p$$

که MS میانگین مربعات می‌باشد.

جدول ۱- اسامی لاین‌های حاصل از توده‌های لوبیای قرمز جمع‌آوری‌شده به‌همراه ارقام شاهد

Table 1. The name of elite lines, origin from local populations of red common bean, with the control cultivars

شماره ژنوتیپ Genotype number	نام	Name	شماره ژنوتیپ Genotype number	نام	Name
1	دورود-۱	Durood-1	9	دورود-۲	Durood-2
2	ازنا-۱	Azna-1	10	نورآباد-۱	Noorabad-1
3	ازنا-۲	Azna-2	11	نورآباد-۲	Noorabad-2
4	الیگودرز-۱	Aligoodarz-1	12	شازند-۱	Shazand-1
5	الیگودرز-۲	Aligoodarz-2	13	شازند-۲	Shazand-2
6	الیگودرز-۳	Aligoodarz-3	14	الشتر	Aleshtar
7	الیگودرز-۴	Aligoodarz-4	15	گلی(شاهد)	Goli(Check)
8	بروجرد	Borujerd	16	صیاد(شاهد)	Sayad(Check)

همچنین انحراف معیار(S.E) واریانس ژنتیکی از معادلـه۵ برآورد شد.

معادله (۵)

$$S.E_{(\sigma^2_t)} = \sqrt{[1/r^2\ 2MS_t^2/(DF_t+2) + 2MS_e^2/(DF_e+2)]}$$

که DFبیانگر درجات آزادی در رابطه فوق می‌باشد.

معنی‌داربـودن واریـانس ژنتیکـی بـا اسـتفاده از معادلـه۶ آزمون شد.

معادله (۶)

$$\sigma \geq \pm\ [1.96_{\ (0.05)}, 2.58_{\ (0.01)}]\ S.E\ _{(\sigma^2_t)}{}^2_t$$

تجزیه کلاستر بر اسـاس روشUPGMA انجـام شـد و از آماره ویلکس لامبدا در معادله۷ جهت برش کلاسـترها اسـتفاده شد.

معادله (۷)

$$\text{Wilks' lambda} = SS_{\text{within group}}/SS_{\text{total}}$$

که در این رابطـه $SS_{\text{within group}}$ بیـانگر مجمـوع مربعـات درون گروهی و SS_{total} مجموع مربعات کل می‌باشد.

سـپس بـه هـر گـروه حاصـل از تجزیـه کلاسـتریک کـد اختصاص گرفت و این گروه‌ها با یکدیگر مقایسه شدند. با وجـود این به منظور تثبیت خطای نوع اول، ابتدا از آزمون $T^۲$ هتلینگ در سطح احتمال۰/۰۵ اسـتفاده شـد. قبـل از انجـام آزمـون $T^۲$ هتلینگ نیز نرمال‌بودن توزیع هر یک از متغیرهـا و یکنـواختی ماتریس‌های واریانس کوواریانس از طریق آزمونBOX درسطح احتمال۰/۰۱ مورد بررسی قرار گرفت. سـپس در مـورد صـفاتی که $T^۲$ هتلینگ آنها معنی‌دار گردید، مقایسه‌هـا بـر اسـاس هـر کدام از صفات صورت پذیرفت. جهـت ارتبـاط صـفات از آمـاره ضریب همبستگی پیرسون استفاده شد.

در تجزیـه رگرسـیون صـفت عملکـرد بـه‌عنـوان متغیـر وابسته(y) و بقیه صفات به‌عنوان متغیر مستقل(x) درنظرگرفته شد و از مدل گام‌به‌گام اسـتفاده گردیـد و از صـفاتی کـه دارای ضریب رگرسیون استانداردشده معنی‌دار بودند، در تجزیه علیت استفاده شد. علاوه بر آن، میزان چندهم‌خطی متغیرها بـا آمـاره فاکتور تورم واریانس یا (VIF(Variance inflation factor از طریق معادله۸ مـورد آزمـون قـرار گرفـت. همبسـتگی سـریال (Serial correlation) نیـز بـا آمـاره دوربـین-واتسـون(D) از طریق معادله۹ آزمون شد.

معادله (۸)

$$VIF = 1/1-r^2_{ij}$$

که در رابطه بالا r ضریب همبستگی می‌باشد.

معادله (۹)

$$D = \Sigma\ (e_i - e_{i-1})^2/\Sigma\ e_i^2$$

که e_i مقدار خطای دادهi اُم و e_{i-1} مقدار خطای داده قبـل از آن می‌باشد.

همبستگی چندمتغیره صـفات در تجزیـه بـه عامـل‌هـا بـا آزمون کروی‌بودن بارتلت در سطح احتمال۰/۰۱ آزمـون شـد و عامل‌هایی که دارای مقادیر ویژه بیشتر از یـک بودنـد، انتخـاب شـدند. بـرای تجزیـه و تحلیـل‌هـای آمـاری از نـرم‌افزارهـای SPSS،Excel و MSTAT-C استفاده گردید.

نتایج و بحث

نتایج تجزیه واریانس نشان داد برای صفات مـورد بررسـی اختلاف معنی‌دار در سطح احتمال۰/۰۱ مشاهده شد (جدول۲). نتایج جدول مقایسات میانگین نشـان داد از نظـر صـفت تعـداد شاخه فرعی بیشترین و کمترین مقدار مشاهده‌شده بـه ترتیـب به لاین شماره۱۳ با داشتن هفت ساقه فرعی و رقم شماره۱۶ با تعداد ۳/۶شاخه تعلق داشت (جـدول ۳). از نظـر ویژگـی طـول نیام رقم شماره۱۶ با ۱۰/۴۲سانتی‌متر دارای بیشترین طول نیام در میان ژنوتیپ‌های مورد مطالعه بود. برای صفت وزن۱۰۰دانه لاین شماره ۱۰ با ۳۵/۴۲گرم دارای بیشترین و رقم شماره۱۶ با ۲۶/۸۵ گرم دارای کمترین مقدار بود.

جدول۲- نتایج تجزیه واریانس و آزمون‌های معنی‌دار برای صفات ارزیابی‌شده در لوبیای قرمز

Table 2. The results of ANOVA and significant tests for evaluated traits in studied red common beangenotypes

منابع تغییرات SOV	درجات آزادی DF	ارتفاع PH	تعداد گره NN	تعداد شاخه فرعی SN	تعداد نیام PN	طول نیام PL	تعداد دانه بوته SNPP	وزن۱۰۰دانه 100SW	عملکرد دانه SY
		میانگین مربعات MS							
تکرار Replication	3	121.93 ns	2.89 ns	0.66 ns	22.08 ns	0.242 ns	118.51 ns	6.60 *	421334 ns
تیمار Treatment	15	900 **	14.35 **	3.67 **	35.54 **	1.06 **	733 **	20.72 **	228941 **
خطا Error	45	122	3.21	0.736	13.84	0.258	97.57	1.80	368900
ضریب تغییرات (درصد) CV %		7.36	4.47	4.98	2.56	4.14	7.52	11.5	6.20
آزمون نرمال‌بودن Test of normality (K-S)		ns	ns	ns	ns	ns	ns	ns	ns

ns، * و **: به‌ترتیب، غیرمعنی‌دار، معنی‌دار در سطح احتمال۰/۰۵ و معنی‌دار در سطح احتمال۰/۰۱

ns, * and **: Non significant, significant at 0.05 and 0.01 probability level, respectively.

PH (Plant height), NN (Node number), SN (Stem number), PN (Pod number), PL (Pod length), SNPP (Seed number per plant), 100 SW (100 seed weight) & SY (Seed yield), SOV (Source of variation), DF (Degree of freedom), MS (Mean square), CV (Coefficient variation), K-S (Kolmogorov-Smirnov test)

جدول۳- مقایسه میانگین صفات اندازه‌گیری‌شده

Table 3. Mean comparison for evaluated traits

شماره ژنوتیپ Genotype number	ارتفاع (سانتی‌متر) PH (cm)		تعداد گره NN		تعداد شاخه فرعی SN		تعداد نیام PN		طول نیام PL		تعداد دانه بوته SNPP		وزن۱۰۰دانه (گرم) 100SW (g)		عملکرد دانه (گرم) SY (g)	
1	103.42	cd	18.12	bc	4.32	cd	24.97	abcd	8.67	e	78.32	bcd	30.92	bcde	4840	bc
2	104.90	cd	21.35	a	4.80	cd	23.58	abcd	8.67	e	80.32	bc	27.90	fgh	4476	bcde
3	108.25	bcd	18.50	b	5.42	c	22.97	abcd	9.00	bcde	74.00	bcd	29.45	defg	4347	bcde
4	101.67	cd	17.50	bc	5.05	c	23.12	abcd	8.700	e	61.90	d	30.65	bcde	3793	de
5	101.27	cd	18.22	abc	5.12	c	28.10	a	9.77	ab	102.00	a	29.07	efg	5949	a
6	96.80	de	17.10	bcd	5.20	c	27.25	ab	9.17	bcde	100.52	a	31.15	bcde	6058	a
7	113.87	bcd	16.32	bcd	4.17	cd	21.20	bcd	8.75	de	73.95	bcd	32.07	b	4738	bcde
8	98.12	d	16.35	bcd	4.62	cd	19.05	d	8.82	cde	65.05	cd	31.57	bcd	4102	cde
9	134.97	a	18.07	abc	5.57	bc	19.45	d	9.67	ab	65.37	cd	31.90	bc	4159	cde
10	122.50	ab	18.17	b	6.77	ab	21.80	bcd	9.47	bcde	69.95	cd	34.22	a	4810	bcd
11	81.20	ef	13.3	e	3.55	d	22.00	abcd	8.82	cde	66.40	cd	29.85	cdef	3852	cde
12	101.60	cd	15.13	cde	4.92	cd	20.80	cd	9.57	bcd	72.82	bcd	35.42	a	5163	ab
13	124.07	ab	16.17	bcd	7	a	19.67	d	9.70	ab	62.37	d	31.72	bc	3922	bcde
14	103.32	cd	17.97	bc	4.20	cd	26.67	abc	9.07	bcde	98.05	a	29.72	cdef	5715	a
15	119.32	abc	17.00	bcd	5.17	c	19.67	d	9.62	abc	67.60	cd	27.60	gh	3715	e
16	75.7	f	14.25	de	3.6	d	19.10	d	10.42	a	87.67	ab	26.85	h	4715	bcde

میانگین‌هایی که در هر ستون برای هر تیمار حداقل یک حرف مشترک دارند، درسطح۰/۰۵ اختلاف معنی‌داری با یکدیگر ندارند.

Means within each column and treatment with a letter in common are not significant at 0.05 probability level.

PH (Plant height), NN (Node number), SN (Stem number), PN (Pod number), PL (Pod length), SNPP (Seed number per plant), 100 SW (100 seed weight), SY (Seed yield)

در مورد عملکرد دانه مشاهده شد که لاین‌شماره۶ (انتخابی از توده الیگودرز)، لاین شماره۵ (انتخابی از توده الیگودرز)، و لاین شماره۱۴(انتخابی از توده الشتر) به‌ترتیب با عملکرد دانه ۶۰۵۸کیلوگرم در هکتار، ۵۹۴۹کیلوگرم در هکتار و

۵۷۱۵کیلوگرم در هکتار، با بقیه اختلاف معنی‌دار داشتند و کمترین میزان عملکرد دانه متعلق به رقم شماره۱۵ (گلی) با ۳۷۱۵کیلوگرم در هکتار بود. عملکرد دانه بالاتر لاین‌ها نسبت به ارقام شاهد بیانگر این موضوع بود که توده‌های محلی لوبیای قرمز می‌تواند به‌عنوان یک منبع غنی ژرم‌پلاسم هتروزیگوت که مخلوطی از ژنوتیپ‌های هموزیگوت می‌باشد، جهت گزینش ارقام پُرمحصول و درعین‌حال سازگار، موردتوجه بیشتر قرار گیرد.

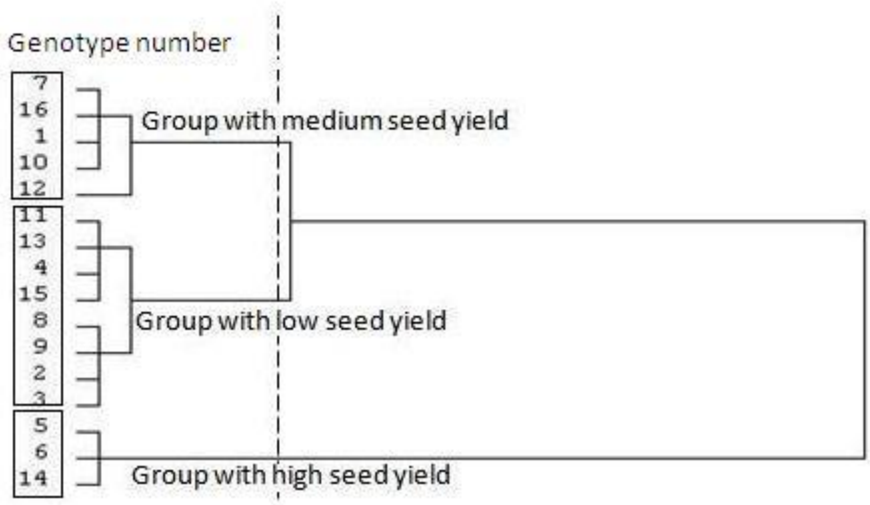
تجزیه کلاستر ژنوتیپ‌ها

با تجزیه کلاستر، ژنوتیپ‌ها در سه گروه کم، متوسط و پُرمحصول به‌ترتیب برابر با میانگین ۴۰۶۲، ۴۸۵۲ و ۵۹۴۱کیلوگرم در هکتار قرار گرفتند (شکل ۱). بین گروه‌های با عملکرد دانه کم و متوسط، برای ویژگی‌های تعداد دانه در بوته و وزن۱۰۰دانه در سطح احتمال۰/۰۱ اختلاف معنی‌دار وجود داشت (جدول ۴). گروه‌های با عملکرد دانه متوسط و زیاد برای صفات تعداد دانه در بوته در سطح احتمال۰/۰۱ تفاوت معنی‌دار نشان دادند، درحالی‌که برای صفات تعداد گره و وزن۱۰۰دانه تفاوت معنی‌دار در سطح احتمال۰/۰۵ مشاهده شد. مقایسات گروه‌های با عملکرد کم و زیاد نشان داد که بین این دو گروه برای صفات تعداد نیام در بوته و تعداد دانه در بوته تفاوت در سطح احتمال۰/۰۱ بود. مقایسه همه گروه‌ها نشان داد صفت تعداد دانه در بوته نقش اساسی را در تمایز همه گروه‌ها داشت و این احتمال در سطح۰/۰۱ بود. میانگین صفت تعداد دانه در بوته برای گروه‌های با عملکرد دانه کم، متوسط و زیاد به ترتیب برابر با ۶۷/۸۷، ۷۶/۵۴ و ۱۰۰/۱۹ بود. می‌توان از صفت تعداد دانه در بوته به عنوان یک شاخص و ویژگی کاربردی برای بهبود عملکرد بهره گرفت.

آماره‌های توصیفی

ویژگی‌های صفات مورد مطالعه نشان داد که این پتانسیل‌ها می‌تواند مورد استفاده به‌نژادگرها در برنامه‌های اصلاحی قرار گیرد (جدول ۵). بیشترین و کمترین درصد ضریب تغییرات ژنتیکی به ترتیب مربوط به تعداد شاخه فرعی با ۲۴/۱ و طول نیام با ۷/۳ تعلق داشت. ارزیابی این ضریب نشان می‌دهد که بهبود پایه ژنتیکی برخی صفات با استراتژی های مناسب از قبیل تلاقی و واردکردن ژرم‌پلاسم در برنامه‌های اصلاحی می‌تواند مدنظر به‌نژادگران قرار گیرد. وراثت‌پذیری عمومی بالا و معنی‌دار در واحد میانگین تیمار در سطح احتمال۰/۰۱ برای همه صفات مورد اندازه‌گیری به‌جُز تعداد نیام در بوته مشاهده شد.

بالاترین میزان وراثت‌پذیری عمومی در واحد میانگین برای صفت وزن۱۰۰دانه برابر با ۰/۹۱ بود. وراثت‌پذیری بالا برای ارتفاع و وزن۱۰۰دانه در لوبیا گزارش شده است (Ahmed, 2013). یکی از دلایل وراثت‌پذیری بالای صفت وزن۱۰۰دانه به ماهیت ژنتیکی این صفت مربوط است که می توان به آن به‌عنوان یک نشانگر مورفولوژیکی قابل‌اعتماد در تشخیص مراکز اصلی تنوع لوبیا (یکی از کلیدهای شناسایی مراکز تنوع لوبیا بر اساس وزن۱۰۰دانه می‌باشد) اشاره نمود (Pereira *et al*., 2009; Marzooghian *et al*., 2013).



شکل ۱- تجزیه کلاستر ژنوتیپ‌ها بر اساس UPGMA و برش کلاسترها با استفاده از آماره ویلکس لامبدا

Fig. 1. Cluster analysis for genotypes based on UPGMA and cluster cutting by Wilks'lambda statistic

جدول ۴- میانگین گروه‌ها برای صفات تحت بررسی

Table 4. Mean of groups for studied traits

صفات Traits	گروه‌های با عملکردِ Groups with seed yield		گروه‌های با عملکردِ Groups with seed yield		گروه‌های با عملکردِ Groups with seed yield	
	کم Low	متوسط Medium	متوسط Medium	زیاد High	کم Low	زیاد High
ارتفاع گیاه (سانتی‌متر) PH (cm)	109.06	103.62	103.62	100.46	109.06	100.46
تعداد گره NN	17.28	16.40	16.40 *	17.76 *	17.28	17.76
تعداد شاخه فرعی SN	5.15	4.76	4.76	4.84	5.15	4.84
تعداد نیام در بوته PN	21.19	21.57	21.57	27.34	21.19 **	27.34 **
طول نیام PL	9.12	9.38	9.38	9.34	9.12	9.34
تعداد دانه در بوته SNNP	67.78 **	76.54 **	76.54 **	100.19 **	67.78 **	100.19 **
وزن۱۰۰دانه (گرم) 100SW (g)	30.08 **	31.91 **	31.91 *	29.65 *	30.08	29.65 *

* و **: به‌ترتیب معنی‌دار در سطح احتمال ۰/۰۵ و ۰/۰۱

* and **: Significant at 0.05 and 0.01 at probability level, respectively

PH (Plant height), NN (Node number), SN (Stem number), PN (Pod number), PL (Pod length), SNPP (Seed number per plant), 100 SW (100 seed weight), SY (Seed yield)

جدول ۵- برخی ویژگی‌های صفات تحت بررسی

Table 5. Some of characteristics for under studied traits

صفات Traits	میانگین Mean	کمترین Minimum	بیشترین Maximum	واریانس Variance	ضریب تغییرات ژنتیکی CV_g	وراثت‌پذیری عمومی در واحد میانگین h^2_b
ارتفاع گیاه PH (cm)	105.75	68.60	146.30	307.57	0.17	0.86 **
تعداد گره NN	17.10	12.60	26.30	5.85	0.14	0.77 **
تعداد شاخه فرعی SN	4.97	3.00	9.00	1.43	0.24	0.80 **
تعداد نیام در بوته PN	22.46	15.30	33.10	19.40	0.20	0.61 *
طول نیام PL	9.25	8.10	11.50	0.45	0.07	0.75 **
تعداد دانه در بوته SNNP	76.65	48.00	109.50	250.09	0.21	0.87 **
وزن۱۰۰دانه (گرم) 100SW (g)	30.57	26.38	38.59	6.54	0.08	0.91 **
عملکرددانه (گرم) SY(g)	4661	2567	6622	828661	0.20	0.83 **

* و **: به‌ترتیب معنی‌دار در سطح احتمال ۰/۰۵ و ۰/۰۱

* and **: Significant at 0.05 and 0.01 at probability level, respectively

PH (Plant height), NN (Node number), SN (Stem number), PN (Pod number), PL (Pod length), SNPP (Seed number per plant), 100 SW (100 Seed weight) & SY (Seed yield)

CV_g (Coefficient of Genetic Variation), h^2_b (Broad sense heritability per treatment mean)

استفاده از آماره وراثت‌پذیری عمومی در واحد میانگین نسبت به برآورد مرسوم وراثت‌پذیری (وراثت‌پذیری عمومی در واحد کرت) مفهومی علمی‌تر و دقیق‌تر دارد و علاوه بر تعدیل اثر تعداد تکرار در جهت کاهش واریانس فنوتیپی در واحد میانگین نسبت به واریانس فنوتیپی در واحد کرت، در نهایت موجب افزایش وراثت‌پذیری‌پذیری عمومی می‌گردد.

همبستگی‌های ساده

در جدول۶، ارتباط صفات اندازه‌گیری‌شده با یکدیگر نشان داده شده است. بین صفات ارتفاع گیاه با تعداد گره و تعداد شاخه فرعی، تعداد نیام در بوته با تعداد دانه در بوته و عملکرد دانه، تعداد دانه در بوته با عملکرد دانه همبستگی در سطح احتمال ۰/۰۱ مشاهده شد، درحالی‌که همبستگی صفات تعداد گره با تعداد شاخه فرعی، تعداد شاخه فرعی با وزن۱۰۰دانه، تعداد دانه در بوته با وزن۱۰۰دانه در سطح احتمال۰/۰۵ بود. ارتباط تعداد دانه در بوته با وزن۱۰۰دانه منفی و به میزان *۰/۳۱- بود، درحالی‌که برای تعداد دانه در بوته با عملکرد دانه بیشترین ارتباط به میزان**۰/۹۱ مشاهده شد. ارتباط مثبت و معنی‌داری بین تعداد دانه در بوته با تعداد نیام در بوته در لوبیای معمولی گزارش شده است (Salehi *et al*., 2008). با وجود این، ضریب همبستگی بالاتری برای تعداد دانه با عملکرد دانه گزارش شده است (Ahmed, 2013). دانش درباره ارتباطات موجود بین صفات، از قبیل همبستگی‌ها، یکی از اجزای مهم در بهبود برنامه‌های به‌نژادی گیاهان زراعی است که به فرآیند گزینش کمک شایانی می‌کند. برپایه همبستگی‌های ساده برای صفات مرتبط که از پیچیدگی ژنتیکی کمتر برخوردار هستند، با گزینش غیرمستقیم برای صفت اصلی که پیچیدگی ژنتیکی بیشتری دارد، می‌توان به شکل سریع‌تری در مقایسه با گزینش مستقیم برای آن صفت اقدام کرد. Amorim *et al*, (2008) اظهار داشتند عملکرد دانه صفت پیچیده‌ای است و حاصل ارتباط اجزای عملکرد می‌باشد که بایستی بهبود همزمان این اجزاء به‌وسیله به‌نژادگران در فرایند گزینش ژنوتیپ‌های جدید برای عملکرد مدّنظر قرار گیرد.

جدول۶- ارتباط صفات اندازه‌گیری‌شده با یکدیگر در ژنوتیپ‌های لوبیاقرمز

Table 6. Correlation between measured traits in studied red common bean

صفات Traits		تعداد نیام PN	ارتفاع گیاه (سانتی‌متر) PH(cm)	تعداد گره NN	تعداد شاخه فرعی SN	طول نیام PL	تعداد دانه در بوته SNNP	وزن۱۰۰دانه (گرم) 100 SW (g)
ارتفاع گیاه	PH	-.103						
تعداد گره	NN	.207	.454**					
تعداد شاخه فرعی	SN	.060	.620**	.275*				
طول نیام	PL	-.114	.018	-.229	.059			
تعداد دانه در بوته	SNNP	.625**	-.244	.108	-.167	.141		
وزن۱۰۰دانه	100 SW	-.083	.224	-.113	.283*	-.085	-.317*	
عملکرد دانه	SY	.631**	-.165	.077	-.069	.101	.916**	.085

*و **: به ترتیب همبستگی معنی‌دار در سطح احتمال ۰/۰۵ و ۰/۰۱ بر اساس ضریب همبستگی پیرسون

* and **: Significant at 0.05 and 0.01 at probability level based on Pearson correlation coefficient, respectively

PH (Plant height), NN (Node number), SN (Stem number), PN (Pod number), PL (Pod length), SNPP (Seed number per plant), 100 SW (100 Seed weight), SY (Seed yield)

تجزیه رگرسیون و مسیر

مقادیر بیشتر از ۰/۱ آماره VIF نشان از عدم وجود چندهم‌خطی برای متغیرها داشت. در نهایت صفات تعداد دانه در بوته و وزن۱۰۰دانه به ترتیب اهمیت (میزان ضرایب رگرسیون استانداردشده) در مدل رگرسیونی باقی ماندند، درحالی‌که تأثیر وزن۱۰۰دانه متوسط بود (جدول ۷). میزان اثرات مستقیم و غیرمستقیم دو صفت تعداد دانه در بوته و وزن۱۰۰دانه بر عملکرد دانه نشان داده شده است (جدول ۸). تعداد دانه در بوته اثر مستقیم و مثبت ۱/۰۳ را بر عملکرد دانه داشت و میزان اثر غیرمستقیم این صفت از طریق وزن۱۰۰دانه ۰/۱۳- بود. با وجود آن‌که میزان همبستگی ساده وزن۱۰۰دانه با عملکرد دانه (جدول ۶) برابر با ۰/۰۸ و غیرمعنی‌دار بود، اما در تجزیه رگرسیون این صفت به‌عنوان متغیر باقیمانده در مدل رگرسیونی دارای ضریب رگرسیون استانداردشده (اثر مستقیم) برابر با ۰/۴۲و معنی‌دار بود که نشان داد علاوه بر همبستگی‌های ساده بایستی به اثرات مستقیم و غیرمستقیم این صفت بر روی عملکرد نیز توجه نمود. اثر مستقیم مثبت وزن۱۰۰دانه بر روی عملکرد دانه گزارش شده است (Ahmed, 2013). با وجود این، اثر مستقیم منفی وزن۱۰۰دانه بر روی عملکرد دانه نیز گزارش شده است (Cokkizgin *et al*. ,2013). نتایج متفاوت از اثرات

یک صفت در تحقیقات، محققان را به زمینه ژنتیکی متفاوت ژنوتیپ‌ها، محیط‌های مختلف از جمله شرایط نرمال و تنش، اثرات متقابل و همچنین عدم توجه به مفروضات تجزیه رگرسیون از قبیل وجود چندهم‌خطی بین متغیرها که موجب اریب و تفسیر غیرمنطقی از نتایج می‌گردد، می‌توان نسبت داد.

جدول ۷- نتایج تجزیه رگرسیون صفات برای متغیر وابسته عملکرد در لوبیای قرمز

Table 7. The results of regression analysis for seed yield as dependent variable in studied red common bean

		ارتفاع گیاه (سانتی‌متر) **PH (cm)**	تعداد گره **NN**	تعداد شاخه فرعی **SN**	طول نیام **PN**	تعداد نیام **PL**	تعداد دانه در بوته **SNPP**	وزن۱۰۰دانه (گرم) **100SW(g)**
ضریب رگرسیون استانداردشده	Standardized regression coefficients	0. 003	0. 012	-0. 021	0. 018	-0. 003	1. 034 **	0. 420 *
فاکتور تورم واریانس	VIF	2. 138	1. 599	1. 788	1. 932	1. 232	2. 125	1. 270
دوربین-واتسون	D	1. 944						

* و **: به‌ترتیب معنی‌دار در سطح احتمال ۰/۰۵ و ۰/۰۱

* and **: Significant at 0.05 and 0.01 at probability level, respectively

PH (Plant height), NN (Node number), SN (Stem number), PN (Pod number), PL (Pod length), SNPP (Seed number per plant), 100 SW (100 Seed weight) & SY (Seed yield)

VIF (Variance Inflation Factor), D (Durbin-Watson)

جدول ۸- تجزیه مسیر صفات تحت بررسی در لوبیای قرمز

Table 8. The results of path analysis of under studied traits in red common bean

ارتفاع گیاه (سانتی‌متر) **PH(cm)**	تعداد گره **NN**	تعداد شاخه فرعی **SN**	طول نیام **PN**	تعداد نیام **PL**	تعداد دانه در بوته **SNPP**	وزن۱۰۰دانه (گرم) **100SW**	ضریب همبستگی **Correlation coefficient**
-0. 00081	0. 00128	0. 003501	0. 011387	-0. 00048	<u>1. 034355</u>	-0. 13307	0. 916
0. 000745	-0. 00133	-0. 00592	-0. 00151	0. 000291	-0. 32758	<u>0. 42017</u>	0. 085

اعدادی که زیر آن‌ها خط‌کشی شده است، اثرات مستقیم هستند.

The number which have underline, are direct effects

PH (Plant height), NN (Node number), SN (Stem number), PN (Pod number), PL (Pod length), SNPP (Seed number per plant), 100 SW (100 Seed weight) & SY (Seed yield)

تجزیه به عامل‌ها

نظر به‌ارتباط صفات مورد اندازه‌گیری با یکدیگر، استفاده از تجزیه به عامل‌ها نیز مورد بررسی قرار گرفت که چهار عامل در مجموع ۹۳/۷۱درصد تغییرات کل را توجیه کردند و دارای مقادیر ویژه بالای یک بودند (جدول ۹). سهم عامل‌های اول تا چهارم به ترتیب ۳۴درصد، ۲۶درصد، ۱۷درصد و ۱۵درصد بود. برای عامل اول متغیرهای تعداد نیام، تعداد دانه در بوته و عملکرد دانه ضرایب بالایی داشتند و این عامل عملکرد و اجزای عملکرد نامیده شد. برای عامل دوم (تیپ فنولوژیکی) متغیرهای ارتفاع و تعداد گره و تعداد شاخه فرعی از ضرایب بالایی برخورداربودند. برای عامل سوم و چهارم، تنها به‌ترتیب صفات طول نیام و وزن۱۰۰دانه دارای ضرایب عاملی بالایی بودند. با توجه به این‌که یکی از اهداف تجزیه به عامل‌ها تبدیل تعداد زیاد متغیرهای اولیه به متغیرهای کم ثانویه به‌منظور درک بهتر و تفسیر ساده‌تر از روابط متغیرهای اولیه می‌باشد، لذا از نام گذاری این دو عامل صرف‌نظر شد.

لاین‌های با شماره ۵، ۶ و ۱۴ (جدول ۱۰) دارای بیشترین مقدار برای عامل عملکرد و اجزای عملکرد بودند که افزایش مقدار این عامل توسط اصلاح‌گران موجب افزایش عملکرد و اجزای آن می‌شود، زیرا صفات مهم برای این عامل که شامل تعداد نیام در بوته و تعداد دانه در بوته و عملکرد دانه بود، دارای ضرایب مثبت بودند (جدول ۹) که می‌توان با افزایش مقدار این عامل برای هر ژنوتیپ در واقع میانگین متغیرها (صفات) را نیز بهبود بخشید. با تجزیه به عامل‌ها می‌توان مختصات ژنوتیپ‌ها را از نظر عامل‌ها به‌دست آورد و ژنوتیپ هایی را که به لحاظ ارزش متفاوت هستند، شناسایی نمود.

جدول۹- نتایج تجزیه به عامل‌ها برای صفات مورد مطالعه بر اساس تجزیه به مولفه‌های اصلی با چرخش در بین متغیرها (Varimax)

Table 9. The results of factor analysis for studied traits based on principle component analysis (PCA) with Varimax rotation

صفات	Traits	فاکتور ۱ Factor 1	فاکتور ۲ Factor 2	فاکتور ۳ Factor 3	فاکتور ۴ Factor 4	میزان اشتراک Comunality
ارتفاع گیاه (سانتی‌متر)	PH(cm)	-0. 217	0. 891	0. 011	0. 193	0. 818
تعداد گره	NN	0. 305	0. 714	-0. 441	-0. 354	0. 799
تعداد شاخه فرعی	SN	-0. 095	0. 861	0. 210	0. 261	0. 750
تعداد نیام در بوته	PN	0. 878	0. 025	-0. 343	-0. 126	0. 726
طول نیام	PL	0. 043	0. 077	0. 984	-0. 076	0. 931
تعداد دانه در بوته	SNNP	0. 932	-0. 162	0. 150	-0. 263	0. 946
وزن۱۰۰دانه (گرم)	100SW (g)	-0. 072	0. 228	-0. 064	0. 958	0. 922
عملکرد دانه (گرم)	SY (g)	0. 970	-0. 072	0. 116	0. 147	0. 938
درصد تغییرات	% of Variance	34. 21	26. 67	17. 06	15. 76	
درصد تغییرات تجمعی	%Cumulative	34. 21	60. 89	77. 95	93. 71	
آزمون کرویبودن بارتلت	Bartlett test of sphericity	**				

**: معنی‌دار در سطح احتمال ۰/۰۱

**: Significant at 0.01 at probability level

PH (Plant height), NN (Node number), SN (Stem number), PN (Pod number), PL (Pod length), SNPP (Seed number per plant), 100 SW (100 Seed weight) & SY (Seed yield)

جدول ۱۰- ارزش عامل‌ها برای ژنوتیپ‌های لوبیای قرمز

Table 10. Factor value for studied red common bean genotypes

شماره ژنوتیپ Genotype number	فاکتور ۱ Factor 1	فاکتور ۲ Factor 2	فاکتور ۳ Factor 3	فاکتور ۴ Factor 4
1	0. 39	-0. 21	-1. 24	0. 10
2	0. 11	0. 74	-1. 39	-1. 69
3	-0. 19	0. 54	-0. 52	-0. 65
4	-0. 77	-0. 06	-1. 18	-0. 11
5	1. 95	0. 31	0. 76	-0. 56
6	1. 84	-0. 16	0. 07	0. 22
7	-0. 21	-0. 41	-0. 74	0. 79
8	-0. 96	-0. 62	-0. 60	0. 43
9	-0. 77	1. 31	0. 62	0. 14
10	0. 08	1. 43	0. 40	1. 30
11	-0. 89	-2. 11	-0. 57	0. 24
12	0. 17	-0. 58	0. 67	2. 20
13	-0. 96	1. 23	1. 09	0. 48
14	1. 55	-0. 23	-0. 37	-0. 21
15	-1. 13	0. 56	0. 71	-1. 38
16	-0. 20	-1. 73	2. 29	-1. 31

با توجه به این‌که برای صفت‌های مختلفی مانند ارتفاع (Gonçalves-Vidigal *et al*., 2008; Carneiro *et al*. , 2013)، تعداد دانه در نیام و وزن ۱۰۰دانه (Barelli *et al*., 2000; Gonçalves-Vidigal *et al*. , 2008)، تعداد دانه در بوته (Barelli *et al*. , 2000) و عملکرد دانه (Carneiro *et al*., 2013) در لوبیای هتروزیس معنی‌دار گزارش شده است و نظر به مستقل‌بودن عامل‌ها نسبت به یکدیگر با شناسایی ژنوتیپ‌های قرارگرفته در دو سوی توزیع عددی برای هر عامل می‌توان جهت استفاده از این ژنوتیپ‌ها در برنامه‌های دورگ گیری و هتروزیس احتمالی بهره جست و همزمان چند ویژگی را در نتاج آنها بهبود بخشید. به‌عنوان مثال لاین‌های شماره۵، ۶ و ۱۴ که در گروه با عملکرد زیاد قرار گرفته بودند (جدول ۴)، واجد بیشترین مقدار برای عامل۱ بودند و رقم شاهد گلی (لاین شماره۱۵) حائز کمترین مقدار برای عامل۱ بود. می‌توان با تلاقی ژنوتیپ‌های دارای مقادیر بیشینه با ژنوتیپ‌هایی که دارای مقادیر کمینه عامل ذکر شده هستند، نسبت به بهبود احتمالی متغیرها (صفات تعداد نیام، تعداد دانه در بوته و عملکرد دانه) در نتاج حاصل اقدام کرد. نظر به استقلال عامل‌ها از یکدیگر هتروزیس احتمالی را می‌توان برای بیش از یک عامل مدنظر قرار داد و به‌نژادی نتاج را بر اساس صفات بیشتری بهبود بخشید.

نتیجه‌گیری

با توجه به این‌که هر یک از تجزیه‌های به‌کاررفته جنبه های مختلفی از ویژگی‌های صفات و ژنوتیپ‌های تحت بررسی را نشان می‌دهد، مدنظرقراردادن این ویژگی‌ها و جمع‌بندی این نتایج می‌تواند دید بهتری نسبت به گزینش صفات و ژنوتیپ‌ها در اختیار به‌نژادگر قرار داده و در نهایت نتیجه مطلوب‌تری حاصل گردد. در بین صفات تحت بررسی، تعداد دانه در بوته با توجه به وراثت‌پذیری بالا (جدول ۲)، تشخیص گروه‌های با عملکرد دانه متفاوت (جدول ۴)، همبستگی بالا با عملکرد (جدول ۶) و اثر مستقیم مثبت بر روی عملکرد دانه (جدول ۸) در مطالعات گزینش برای افزایش عملکرد در لوبیاهای تحت بررسی نسبت به دیگر صفات مورد مطالعه مناسب‌تر تشخیص داده شد. نظر به کشت ارقام اصلاح‌شده، پایه ژنتیکی ارقام لوبیا محدود شده است (Miklas, 2000; Singh, 2001). در-صورتی‌که بهبود همزمان چندین صفت مدنظر باشد، روش‌های آماری چندمتغیره مانند تجزیه به عامل‌ها می‌تواند در شناسایی ژنوتیپ‌های مطلوب مثمرثمر واقع گردد. علاوه بر آن تلاقی ژنوتیپ‌های دو سوی توزیع علاوه بر بهبود ذخایر ژرم‌پلاسم لوبیا باعث می‌شود صفاتی که هتروزیس برای آن‌ها مشاهده می‌شود، در نهایت مورد استفاده بهره‌برداران قرار گرفته و یکی از اهداف کشاورزی پایدار که بهبود ذخایر ژرم‌پلاسم (توسط به نژادگران) می‌باشد، تحقق یابد و به دنبال آن امنیت معیشتی (کشاورزان) و امنیت غذایی نیز ارتقاء یابد.

منابع

1. Ahmed, S. 2013. Correlation and path analysis for agro-morphological traits in rajmash beans under Baramulla-Kashmir region. African Journal of Agricultural Research 8: 2027-2032.
2. Akhshi, N., Firouzabadi, F.N. , Cheghamirza, K., and Dorri, H. 2015. Coefficient analysis and association between Morpho-Agronomical characters in common bean (*Phaseolus vulgaris* L.). Cercetari Agronomice in Moldova 48: 29-37.
3. Ambachew, D., Mekbib, F., Asfaw, A., Beebe, S.E., and Blair, M.W. 2015. Trait associations in common bean genotypes grown under drought stress and field infestation by BSM bean fly. The Crop Journal 3: 305-316.
4. Amorim, E.P., Ramos, N.P., Ungaro, M.R.G., and Kiihl, T.A. 2008. Correlations and path analysis in sunflower. Bragantia 67: 307-316.
5. Anonymous. 2014. Agricultural Statistics. The office of Statistics and Information. Ministry of Agriculture-Jahad. Available at web site http://www.maj.ir
6. Barelli, M.A.A., Gonçalves-Vidigal, M.C., Amaral Júnior, A.T., Vidigal Filho, P.S., and Scapim, C.A. 2000. Combining ability among six common bean cultivars adapted to the North West Region of Paraná State, Brazil. Bragantia 59: 159-164.
7. Carneiro, P.C.S, Menezes Júnior, J.A.N.D, Carneiro, V.Q., Carneiro, J.E.D.S., Cruz, C.D., and Borém, A. 2013. Genetic potential of common bean parents for plant architecture improvement. Scientia Agricola 70: 167-175.
8. Cokkizgin, A., Colkesen, M., Idikut, L., Ozsisli, B., and Girgel, U. 2013. Determination of relationships between yield components in bean by using path coefficient analysis. Greener Journal of Agricultural Sciences 3: 085-089.

9. FAO. 2016. Food and Agriculture Organization of the United Nations. Available at web site http://www.fao.org
10. Gonçalves, D.D.L., Barelli, M.A.A., Oliveira, T.C.D., Santos, P.R.J.D., Silva, C.R.D., Poletine, J.P., and Neves, L.G. 2017. Genetic correlation and path analysis of common bean collected from Caceres Mato Grosso State, Brazil. Ciência Rural 47: 1-7.
11. Gonçalves-Vidigal, M.C., Silvério, L., Elias, H.T., Vidigal Filho, P.S., Kvitschal, M.0V., Retuci, V.S., and Silva, C.R.D. 2008. Combining ability and heterosis in common bean cultivars. Pesquisa Agropecuária Brasileira 43: 1143-1150.
12. Karasu, A., and Oz, M. 2010. A study on coefficient analysis and association between agronomical characters in dry bean (*Phaseolus vulgaris* L.). Bulgarian Journal of Agricultural Science 16: 203-211.
13. Marzooghian, A., Moghaddam, M., Valizadeh, M., and Kooshki, M.H. 2013. Genetic diversity of common bean genotypes as revealed by seed storage proteins and some agronomic traits. Plant Breeding and Seed Science 67: 125-137.
14. Miklas, P. 2000. Use of *Phaseolus* germplasm in breeding pinto, great northern, pink, and red bean for the Pacific Northwest and intermountain region. Bean Research. Production and Utilization. Proc. of the Idaho Bean Workshop. University of Idaho, Moscow, ID. pp. 13-29.
15. MSTAT-C. Version 1. 42. Freed, R.D., and Eisensmith, S.P. Crop and Soil Sciences Department. Michigan State University.
16. Önder, M., Kahraman, A., and Ceyhan, E. 2013. Correlation and path analysis for yield and yield components in common bean genotypes (*Phaseolus vulgaris* L.). Ratarstvo i Povrtarstvo 50: 14-19.
17. Pereira, T., Coelho, C.M., Bogo, A., Guidolin, A.F., and Miquelluti, D.J. 2009. Diversity in common bean landraces from south Brazil. Acta Botanica Croatica 68: 79-92.
18. Pradesh, H. 2010. Genetic diversity of French bean (bush type) genotypes in north-west Himalayas. Indian Journal of Plant Genetic Resources 23: 285-287.
19. Rai, N., Singh, P., Verma, A., Yadav, P., and Choubey, T. 2010. Hierarchical analysis for genetic variability in pole type French bean. Indian Journal of Horticulture 67: 150-153.
20. Sadeghi, A., Cheghamirza, K., and Dorri, H.R. 2011. The study of morphoagronomic traits relationship in common bean (*Phaseolus vulgaris* L.). Biharean Biologist 5: 102-108.
21. Salehi, M., Tajik, M., and Ebadi, A. 2008. The study of relationship between different traits in common bean (*Phaseolus vulgaris* L.) with multivariate statistical methods. American-Eurasian Journal of Agricultural and Environmental Science 3: 806-809.
22. Singh, S.P. 2001. Broadening the genetic base of common bean cultivars. Crop Science 41: 1659-1675.
23. Sofi, P., Zargar, M., Debouck, D., and Graner, A. 2011. Evaluation of common bean (*Phaseolus vulgaris* L.) germplasm under temperate conditions of Kashmir Valley. Journal of Phytology 3: 47-52.
24. SPSS. Version 9. Nie, N.H., Bent, D.H., and Hull, C.H. Statistical Package for the Social Sciences. McGraw-Hill New York.

Iranian Journal of Pulses Research
Vol. 10, No. 2, 2019, p. 77-89 (Research Article)

The evaluation of elite lines obtained from red common bean (*Phaseolus vulgaris* L.) local populations

Kooshki[1], M.H. & Marzooghian[2]*, A.

1. Crop and Horticultural Science Research Department, Lorestan Agricultural and Natural Resources Research and Education Center, AREEO, Khorramabad, Iran, mh_kooshki@yahoo.com
2. Crop and Horticultural Science Research Department, Khuzestan Agricultural and Natural Resources, Research and Education Center, AREEO, Ahwaz, Iran

Received: 8 May 2017
Accepted: 20 January 2018

DOI: 10.22067/ijpr.v10i2.66654

Introduction

Phaseolous vulgaris is highly important among bean species. China, Iran and Japan are the most important countries producing bean in Asia. According to reported information, cultivated area of bean was 94000 ha in Iran which 17841 ha located in Lorestan province. Improvement of new cultivar with high genetic potential for grain yield is the final goal in many breeding programs. To achieve this goal, many characteristics should be considered. Positive and negative significant correlation has been reported between traits in common bean. Various, traits had different direct and indirect effects on grain yield which should be considered. In addition to path analysis, evaluation and relationship of traits by other multivariate statistical methods such as cluster and factor analysis have been studied for better understanding of these relationships. This study aimed to investigate superior lines, study the relationship between important traits with seed yield by some univariate and multivariate statistical methods, and provide functional recommendation to breeding programs.

Materials & Methods

Elite lines obtained from red common bean (*Phaseolus vulgaris* L.) local populations of Lorestan province and suburbs, Iran, including 14 lines belonged to Azna (2 lines), Aligudarz (4 lines), Aleshtar (1 line), Borujerd (1 lines), Durood (2 lines), Shazand (2 line) and Nourabad (2 lines), with two control cultivars Goli and Sayyad were evaluated in randomized complete block design (RCBD) with 4 replications in Borujerd station, Lorestan, Iran, in 2011. Plant height, node number, stem number, pod length, pod number per plant, seed number per plant, 100 seed weight and seed yield characteristics were measured. Data were normalized by Kolmogorov-Smirnov test at 0.01 probability level. Error, genetic and phenotypic variances, and broad sense heritability pertreatment mean were estimated. Pearson correlation coefficient was used to determine the relationship between traits. Cluster analysis based on UPGMA was performed and Wilks' lambda statistic was used for cutting dendrogram. Then, a code was allocated to each group and these groups were compared. However, in order to fix type I error, Hotelling's T^2 test was used at 0.05 probability level. Before that, the assumption of homogeneous variance-covariance matrix was tested by BOX test at 0.01 probability level. Then, traits were compared. Seed yield was considered as dependent variable (y) and regression analysis was performed by stepwise method. Traits, that had significant standardized coefficient, were used in path analysis. For statistical analysis, Excel, SPSS and MSTAT-C software were used.

Results & Discussion

The results of ANOVA showed that the lines had significant difference for all studied traits. Mean comparison by Duncan test showed the highest and lowest seed yield belonged to Aligodarz-3 line (6058 Kg ha^{-1}) and Goli cultivar (3175 Kg ha^{-1}), respectively. All of the genotypes that were located in high seed yield group by cluster analysis belonged to elite lines that indicated the local red common bean populations, as a heterozygote germplasm source that been mixed of homozygous genotypes, had high potential to selection of superior lines in the breeding program. Comparison between groups by Hotelling-T^2 statistics indicated seed number per plant and had significant difference at 0.01 probability level. The highest and lowest significant

***Corresponding Author:** a.marzooghian@areeo.ac.ir

correlation coefficient was observed for seed number per plant with seed yield (0.91^{**}) and node number with stem number (0.27^{*}), respectively. The results of multiple regression for seed yield as dependent variable showed that seed number per plant and 100 seed weight had significant standardized regression coefficient. While, 100 seed weight had no significant correlation coefficient with seed yield that breeders should be considered different aspect of trait relationships. Path analysis results showed seed number per plant with direct effect 1.03 had more effect on seed yield than 100 seed weight with direct effect 0.43. While, both seed number per plant and 100 seed weight had negative indirect effect on seed yield by each other. The results of factor analysis showed four factors explained 93% of total variation. The first and second factor were called yield and yield component, and phenological type explained 60% of total variation. The lines that located in high yield group had the highest value for yield and yield components factor. While, the lowest score for mentioned factor belonged to Goli cultivar that showed factor analysis can be used both to summarize many dependent variables (traits) into little independent variables (factors) and to selective genotypes based on factor value. According to reports, the genetic base of bean cultivars has been limited. One of the useful results of multivariate analysis is the investigation of genotypes that locate at the end of distribution for several traits and these genotypes can be used as parents for better utilizing of probably heterosis. Heterosis and crossing one of the sustainable agricultural goals would improve germplasm, increase human food, promotion of farmer's livelihoods and provide food.

Conclusion

Local populations of red common bean should be considered by breeders to select superior lines because of its potential and adaptation. Some studied traits had high diversity that could be exploited in breeding programs. While, other traits need to increase diversity by breeding strategies. Considering that each of studied analysis showed the different aspects of traits relationships and genotypes potential. So, the results should be considered simultaneously by breeders to better interpretation. Among the studied traits seed number per plant, according to high heritability, the identification of groups with different grain yield, high correlation and positive direct effect on grain yield was appropriate to increase seed yield. Multivariate analysis can be used to evaluate desirable genotypes and accumulate favorable alleles in breeding programs. The results of this study can be useful for breeders to investigate and utilize both traits and genotypes in breeding programs.

Keywords: Bean, Indirect selection, Multivariate statistical methods, Pure line, Yield